

研究报告

多个核酸序列的计算机比较分析

杨子恒

北京农业大学畜牧系, 100094

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 本文介绍了一组应用于多个DNA序列比较分析的BASIC程序。程序K1246^P利用1-P、2-P、4-P和6-P替代模型估计同源DNA序列分化后的核苷酸替代数K; 程序DOT利用点阵方法比较两个DNA或蛋白质序列, 寻找序列间的相似性以及寡聚核苷酸、回文序列等初级结构特征。

关键词 [DNA序列](#) [微机程序](#)

分类号

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(0KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ 本刊中 [包含“DNA序列”的相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
- [杨子恒](#)